

STIC-Biotech/ChemLib

75270

From: McGarry, Sean
Sent: Tuesday, September 10, 2002 9:58 AM
To: STIC-Biotech/ChemLib
Subject: SEQ SEARCH

Sean McGarry
09/917,963
Office CM1 11D07
Mail box CM1 11E12
305-7028

Please, for, 09/917963, an oligomer search of SEQ ID NO:3. Please do NOT search EST data and do not search for interference.
Thanks

Point of Contact:
Toby Port
Technical Info. Specialist
CM1 6A04
703-308-3534

Searcher: _____
Phone: _____
Location: _____
Date Picked Up: 9/17
Searcher Prep/Review _____
Clerical: _____
Online time: 1.0

TYPE OF SEARCH:
NA Sequences: 1
AA Sequences: _____
Structures: _____
Bibliographic: _____
Full text: _____
Patent Family: _____
Other: _____

VENDOR/COST (where applic.)
STN: _____
DIALOG: _____
Questel/Orbit: _____
DRLink: _____
Sequence Sys.: _____
WWW/Internet: _____
Other (specify): _____




```

UY 2420 ctgactaaagacacatataagatccagatgctctatctatgatattccagatcaca 2379
DB 2481 ctgactaaagacacatataagatccagatgctctatctatgatattccagatcaca 2340
UY 2480 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2439
DB 2441 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2400
UY 2440 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2439
DB 2401 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2460
UY 2500 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2559
DB 2461 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2520
UY 2560 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2619
DB 2521 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2580
UY 2620 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2679
DB 2581 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2640
UY 2680 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2739
DB 2641 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2700
UY 2740 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2799
DB 2701 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2760
UY 2800 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2859
DB 2761 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2820
UY 2860 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2919
DB 2821 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2880
UY 2920 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2979
DB 2881 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 2940
UY 2980 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 3039
DB 2941 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 3000
UY 3040 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 3099
DB 3001 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 3060
UY 3100 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 3159
DB 3061 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 3120
UY 3160 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 3219
DB 3121 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 3180
UY 3220 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 3279
DB 3181 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 3240

```

```

ORGANISM      Unknown.
REFERENCE     1 (bases 1 to 3185)
AUTHORS      Wetterau, J. K., Shaw, J. Y., Smith, R. E., Miller, S.,
              Dickson, J. K., Lawrence, J. M., Johnson, J. E., III,
              Parfya, R. A.
TITLE        Nucleic acids encoding microsome triacylglyceride 11uns
JOURNAL      J. Biol. Chem. 271: 15587-15592 (1996)
FEATURES     location/Qualifiers
             source      1..3185
             ORIGIN      /organism="Unknown"
BASE COUNT   975 a 680 c 764 g 80 t

```

```

Query Match: 92.4% Score 51.4: Db 6: Length 31
Best Local Similarity 100.0%: Fred. No. 0
Matches 3184: Conservative 0: Mismatches 1: Indels

```

```

UY 40 ctgacttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 41
DB 1 ctgacttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 41
UY 100 ctgacttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 101
DB 61 ctgacttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 61
UY 160 ctgacttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 161
DB 121 ctgacttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 121
UY 220 atcgagcaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaa 221
DB 181 atcgagcaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaa 181
UY 280 tggacttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 281
DB 241 tggacttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 241
UY 340 agaatgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 341
DB 301 agaatgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 301
UY 400 aaagcccatcctaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaa 401
DB 361 aaagcccatcctaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaa 361
UY 460 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 461
DB 421 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 421
UY 520 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 521
DB 481 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 481
UY 580 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 581
DB 541 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 541
UY 640 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 641
DB 601 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 601
UY 700 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 701
DB 661 tgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 661
UY 760 gcttgaattgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 761
DB 721 gcttgaattgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 721
UY 820 cgaattgaattgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 821
DB 781 cgaattgaattgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttgaatttga 781

```

```

RESULT 4
Locus 134041
DEFINITION Sequence 2 from patient US 5595872.
ACCESSION 134041
VERSION 134041.1 GI:1824822
KEYWORDS
SOURCE Unknown.

```

[illegible][illegible]

[illegible]

db	2161	TTTTATGCTGCAAAATGCTGCAATGCTGCAACCTGATATGCTGCTGAAGGAACTTAT	2220
cy	2282	TTCTATGATAGATGCTCTCTCAAGAACTCTGCTCTGATCTCTGCTCTGCTATATAGA	2341
db	2221	TCTGCTAATAGATGATCTTGCAAGACCTTCAGCTACCATGCTGCACTAAAGCTAATATAGA	2280
cy	2342	gattccagatgagctatgcatatgatatcttcagctgcaatggaatcttactgtgatatg	2401
db	2281	GGTTCAGAGGAGGAGTACAT	2340
cy	2402	Tgagctcaaaagctgaatgaaagatagatgactgtggaatagacactgacatcagat	2461
db	2341	TGACTGCTAAAGCTGGATGAAAAATATGCTGATCTGCTAATATACCTGCAATATACAGT	2400
cy	2462	gaactgactctttagtgaagctgagctggaagagctacgaaacagagacagcttgaa	2521
db	2401	GGACTGCTTTTGTGAAAGTGTGGCTTGTGAAATACATACGTAACGTAACGATTTGGA	2460
cy	2522	cttctgctcctgagatgcaatctctcagctagcgaactctgatttgatcgagatgagaa	2581
db	2461	GTTATCTCCACAGCTGACGCTTCTCAGTACGCTATTCTTAGTTGATGTAATATGGA	2520
cy	2582	ggaatgaagctccgactcaggaacttgagaaagatgacgaagagctgctcagagcgagag	2641
db	2521	GGATCAAGCTGCTATTGAGGCAATTTGCAAAAAAGTACGAAAGCTGTCCACAGCTACAG	2580
cy	2642	cttagctctctcagaaagaaagaaagacttatagagagatgactctcctgctgcatca	2701
db	2581	TTATGCTCTGCAAAAAAGAAACAAAGCCGATTAGCAGGATGTCAATTCGCACTGATCA	2640
cy	2702	aaaagaactcaggaatgagcaaaatgagatctgcccctcagcgcgaatgagactccagag	2761
db	2641	AGCAATCTCAAGATATGCTGAAGTGGTGTTCCTGCTGCTGATGCTGATCTGTAACGG	2700
cy	2762	atggtcttgaagctgagctgtaatttacttaaatgactctcctgaaagagagagag	2821
db	2701	ATGGTTTGGAAATGCACTGCTGATATTTTACTTGGAATTTGTTCTCTCGAAGAGGCAAA	2760
cy	2822	tgtagctgactgaatgactgactctctgagagcagagcttactatattacactaat	2881
db	2761	TGTGGATGACTAGTATTTGCTCTGTGAAGCTCAAGCTTTTCAATTTACCTGATTT	2820
cy	2882	agagcttctgaagagctacagaaagctgagattgactcaatttggtatctctgagta	2941
db	2821	AAGAATTTTGTAAAAAGCTCAAAAAAAATGCACTTGCATCAAAATTCGCTAATGTACGA	2880
cy	2942	tactaacagcagagctactttaaatacatgagagcttctcaagaactctctgacttga	3001
db	2881	TGCTAACGCAAGGTCATTTGAACTCATGTGACGCTTTCACGACGTTCTTAGTTTA	2940
cy	3002	cttatgactctctcaaatctcaattggtacagtgcgaatacttattctctgaagagaaac	3061
db	2941	CTTATATGCTCTGCAAACTGATTTGCTACAGTCAAGTATGCTTATCTCTTAAAGCAAAAC	3000
cy	3062	tatggtcttctgaagaagaagaatgaagaagagagctcagaggaagacactaatctgatt	3121
db	3001	TATGCTTTGCTAAAAACAAAAATAAAAACAAAGCTACAGAGCAAACTGTTGTT	3060
cy	3122	caatcaaatcttgaataatgatatgaaactcttgatgaagacttcttaagcatgagagga	3181
db	3061	CAACAAATTTTGATCAATGTATATGAAGCTCTTGATACAGCTTCTTAAAGTATGAGAGGA	3120
cy	3182	aaacgcaagagctccctcaatcaggaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaagaaag	3241
db	3121	AAATCAAAACAGCTTCTCAATCTAGGAAAAAAGAAAAAAGAAAAAGATATATACAAATAA	3180
cy	3242	aaacatcttcttctctctcttctgagatctagagctctcctagagagagagagagcttctga	3301
db	3181	AACCATTTTTTCTCTTTTCTTTTGAGCTTGGGAGCTGGAGGAGCAATGGAAAGCTTTAA	3240
cy	3301	aaagcttattgagcaactcaagaattaatattatgctctctgattatgattatgaag	3360

116 20716 AGTAAAGAAAGTTCAGTTCATCAATTTCGGTAATCGAGTAAGCACCACAGAGT 20777

Smith, M. & Green, J. <http://www.genome.washington.edu/gen/propmat.htm>

	Genome Center
Center:	Whitehead
Center code:	WHLR
Web site:	http://www.sgc.mit.edu
Contact:	sequencing, submissions: genome.w@mit.edu
	Project Information

[illegible]

ACCESSION	A0084902
VERSION	A0084902.5
	GI:16096544

Fisheries; Metacox; Chel
Mammalia; Pothorid; Pri

MELLINE
 99063792
 2 (Issues 1 to 204866)
 REFERENCE

INTERNET
Downloaded (2001)
1 (bases 1 to 204850)
Reference
Author(s)
Title

UNIVERSITY SCHOOL OF
MO 64108, USA
E-mail: phases1to204860@gmail.com

Submitted (09-JAN-2002)

Center code: WU250
Web site: <http://www.wu.ac.at>

— *Journal of the American Medical Association*, 1997

NOTICE: This sequence may not represent the entire insert of this clone. It may be shorter because we only sequence overlapping clone sections once, or longer because we provide a small overlap between neighbour and data submissions.

MAPPING INFORMATION: Mapping information for this place was provided by McPherson, Department of Genetics, Washington University, MO. For additional information about the map position sequence, see <http://genome.wustl.edu/097486>

NEIGHBORING SEQUENCES. The sequence of the clone sequenced to the left is Ap001960; the clone sequenced to the right is Rp11-766P14. Actual start of this clone is at position 1 of Rp11-766P14; actual end is at base 1 of Rp11-766P14.

Source:

Data from AC084421 was used to finish this closure.

```
repeat_region 16.93, -17.60 "A18;"
repeat_region 18.00, -21.65 "A18;"
repeat_region 4.931, -3.140 "A18;"
repeat_region 5.431, -3.641 "A18;"
repeat_region 5.486, -6.065 "A18;"
repeat_region 6.091, -6.743 "A18;"
repeat_region 6.298, -6.317 "A18;"
repeat_region 7.715, -7.776 "A18;"
repeat_region 7.855, -8.248 "A18;"
repeat_region 8.341, -8.303 "A18;"
repeat_region 8.510, -9.150 "A18;"
repeat_region 9.153, -9.295 "A18;"
repeat_region 9.568, -9.848 "A18;"
repeat_region 9.825, -9.848 "A18;"
repeat_region 10.233, -10.434 "A18;"
repeat_region 10.722, -11.543 "A18;"
repeat_region 11.269, -11.528 "A18;"
```


Gy		4197	CCTAATCAAGGdaaaJaaaaaaaadaadada	3224
Dh		7337	CCATAACGGAAAAAAAaaaaaaaaa	7364

LOCUS	144034	8067 bp	INA	LINEAR	FAST 06-FEB-1997
DEFINITION	Sequence B from patient US 5595872.				
ACCESSION	144034				
VERSION	1.44034.1	011824825			
KEYWORDS					
SOURCE	UNKNOWN				
ORGANISM	UNKNOWN				
REFERENCE	Unpublished.				
AUTHORS	Wetteran, J.R., II, Sharp, D.Y., Grogg, K.E., Hillot, S.A., Diekson, J.K., Lawrence, K. Michael, J., Lawson, J.E., Holava, H.M. and Patt, Y.K.A.R.A. Nucleic acids encoding mitochondrial tryptophan transfer protein in patients US 5595872 A R 21 JAN 1997; 1. 8067 1. 8067				
FEATURES	/contigism "unknown"				
BASE COUNT	2183	1	1555	1765	4
GC CONTENT					4 others

Query Match: 18.5%; Score 628; DB 6; Length 8067;
 Best Local Similarity: 100.0%; Prod. No. 0;
 Matches 628; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

[illegible]

Db 7337 CCTAATCAGGAAAAA 7364

RESULT	12			
LOCUS	G19427	400 bp	JNA	11/09/97
DEFINITION	G19427	human STS SHC-12008, sequence tagged site,		STS 02-APR-1996
ACCESSION	G19427.1	G11244214		
VERSION	G19427.1	G11244214		
KEYWORDS	STS	STS sequence, primer; sequence tagged site,		
SOURCE	human,			
ORGANISM	Homo sapiens			
REFERENCE	Ekayama, M.	Chordata; Granata, Vertebrata; Euteleostomi;		
AUTHORS	Mammalia; Eulioria;	Primates; Carnivora; Homiidae; Homo,		
JOURNAL	Myers, R. M.	(bases 1 to 400)		
COMMENT	unpublished			

Tel: 4157259687
Fax: 4157259689
Email: myers@shq.stanford.edu

Primer B: GCTGTGGTAGCATCTGCA
 STS size: 105
 PCR profile:

Denaturation:	94 degrees C for 15 seconds
Annealing:	62 degrees C for 24 seconds
Polymerization:	72 degrees C for 30 seconds
100 Cycles:	30
Thermal Cycler:	Perkin Elmer 9600
Protocol:	Amplification

dNTPs:	each 200 μ M
1st Polymerase:	5.05 units/ul
Total Vol:	10 ul

MgCl ₂ :	2.5 mM
KCl:	50 mM
Tris HCl:	20 mM
pH:	8.3

Source	Location/Qualifiers	Prepared with primer pairs derived from
1. 400		
/organism "Homo sapiens"		
/db_xref "taxon:9606"		

Primer_bind	complement(164, 183)	
BASE_COUNT	13 4 72 0	64 4 127 1
ORIGIN		22 others

Query Match:	8.9%	Score 301;	DH 11;	Length 400;
Host Local Similarity	100.0%;	Prod. No. 3.2e-162;		
Matches 301;	Conservative 0;	Mismatches 0;	Indels 0;	Gaps 0;

Db 1 AAGTGAAGCTGGATATTACTGGAATTGTTCTCCGGAAGAGGCAATCAATGTTGGCATCA 60
2832 CCAAGTAACTAAGCTCTCGAGAGCAATGCGCTTAACTAAATTAAGCTATCTG 2893

[illegible]

Wed Sep 18 08:38:00 2002

us-09-917-963-3.oli.rge



used in gene therapy, enzyme induction of the expression and activity of proteins related to antiprotein, 4-hydroxyphenyl, dehydrogenase, adenosine triphosphate (ATP) class I histocompatibility antigen major histocompatibility complex (MHC) class I histocompatibility antigen and/or phosphatase kinase. Disorders that may be prevented, diagnosed and/or treated by the above methods include multifactorial diseases with a genetic component, such as autoimmune diseases (e.g., rheumatoid arthritis, multiple sclerosis, diabetes, systemic lupus erythematosus and Crohn's disease), inflammation, cancer (e.g., cancers of the bladder, brain, breast, colon and kidney, leukemia), diseases of the nervous system, an infection of pathogenic organisms. They may also be used to alter phenotypic traits such as longevity, appearance, strength, speed and endurance.

Sequence 51 BP: 15 A; 13 C; 9 G; 14 T; 0 other;

Query Match 1.58; Score 51; DB 22; Length 51;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 7; Le-09;
Matches 51; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 1816 ccattatcaagacccctacgttgaatgcctgcacgaattgtcc 1866
|||||
ID 1 ccattatcaagacccctacgttgaatgcctgcacgaattgtcc 51

RESULT:

AA050443
ID AA050443 standard; cDNA; 2900 BP;

XX
AC AA050443;

XX
ID 10-MAY-1994 (first entry)

XX
DE bovine MTP.

XX
KM MTP: microsomal triglyceride transfer protein; obesity;

XX
KM atherosclerosis; detection; inhibitor; prevention; stabilisation;

XX
KM reagents: lipid; serum cholesterol; TG; triglyceride; TG;

XX
KM phosphatidyl choline; pc; cholesterol; ester; CE;

XX
KM pancreatic; hyperglycemia; ss;

XX
OS homo sapiens;

XX
EH Key

XX
FT Key Location/Qualifiers

XX
F1 CDS

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

Claim 3 4, Page 34 17, 112pp, English.

XX
CC The sequences given in AA050443 may be used for the detection

XX
CC of MTP or MTP inhibitors.

XX
CC bovine and human MTP are useful for the prevention, stabilisation or

XX
CC regression of atherosclerosis or for lowering the level of serum

XX
CC lipids such as serum cholesterol, triglyceride, phosphatidyl choline

XX
CC or cholesteryl ester in a mammalian species.

XX
CC diseases associated or affected by serum lipid levels, such as

XX
CC pancreatitis, hyperglycemia, obesity, etc., may be treated.

XX
CC Sequence 2900 BP: 890 A; 627 C; 618 G; 745 T; 0 other;

QY 927 gattcaagacccctacgttgaatgcctgcacgaattgtcc 974
|||||
ID 739 gattcaagacccctacgttgaatgcctgcacgaattgtcc 786

RESULT:

AA050443
ID AA050443 standard; cDNA; 43 BP;

XX
AC AA050443;

XX
ID 10-MAY-1994 (first entry)

XX
DE MTP (255-287) normal.

XX
KM MTP: microsomal triglyceride transfer protein; obesity;

XX
KM atherosclerosis; detection; inhibitor; prevention; stabilisation;

XX
KM reagents: lipid; serum cholesterol; TG; triglyceride; TG;

XX
KM phosphatidyl choline; pc; cholesterol; ester; CE;

XX
KM pancreatitis; hyperglycemia; abetalipoproteinemia; amplification;

XX
KM primer; polynucleotide chain reaction; PCR; ss;

XX
OS homo sapiens;

XX
EH Key

XX
FT Key Location/Qualifiers

XX
F1 CDS

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

Claim 3 4, Page 34 17, 112pp, English.

XX
CC The sequences given in AA050443 may be used for the detection

XX
CC of MTP or MTP inhibitors.

XX
CC bovine and human MTP are useful for the prevention, stabilisation or

XX
CC regression of atherosclerosis or for lowering the level of serum

XX
CC lipids such as serum cholesterol, triglyceride, phosphatidyl choline

XX
CC or cholesteryl ester in a mammalian species.

XX
CC diseases associated or affected by serum lipid levels, such as

XX
CC pancreatitis, hyperglycemia, obesity, etc., may be treated.

XX
CC Sequence 2900 BP: 890 A; 627 C; 618 G; 745 T; 0 other;

QY 927 gattcaagacccctacgttgaatgcctgcacgaattgtcc 974
|||||
ID 739 gattcaagacccctacgttgaatgcctgcacgaattgtcc 786

RESULT:

AA050443
ID AA050443 standard; cDNA; 43 BP;

XX
AC AA050443;

XX
ID 10-MAY-1994 (first entry)

XX
DE MTP (255-287) normal.

XX
KM MTP: microsomal triglyceride transfer protein; obesity;

XX
KM atherosclerosis; detection; inhibitor; prevention; stabilisation;

XX
KM reagents: lipid; serum cholesterol; TG; triglyceride; TG;

XX
KM phosphatidyl choline; pc; cholesterol; ester; CE;

XX
KM pancreatitis; hyperglycemia; abetalipoproteinemia; amplification;

XX
KM primer; polynucleotide chain reaction; PCR; ss;

XX
OS homo sapiens;

XX
EH Key

XX
FT Key Location/Qualifiers

XX
F1 CDS

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

Claim 3 4, Page 34 17, 112pp, English.

XX
CC The sequences given in AA050443 may be used for the detection

XX
CC of MTP or MTP inhibitors.

XX
CC bovine and human MTP are useful for the prevention, stabilisation or

XX
CC regression of atherosclerosis or for lowering the level of serum

XX
CC lipids such as serum cholesterol, triglyceride, phosphatidyl choline

XX
CC or cholesteryl ester in a mammalian species.

XX
CC diseases associated or affected by serum lipid levels, such as

XX
CC pancreatitis, hyperglycemia, obesity, etc., may be treated.

XX
CC Sequence 2900 BP: 890 A; 627 C; 618 G; 745 T; 0 other;

QY 927 gattcaagacccctacgttgaatgcctgcacgaattgtcc 974
|||||
ID 739 gattcaagacccctacgttgaatgcctgcacgaattgtcc 786

RESULT:

AA050443
ID AA050443 standard; cDNA; 43 BP;

XX
AC AA050443;

XX
ID 10-MAY-1994 (first entry)

XX
DE MTP (255-287) normal.

XX
KM MTP: microsomal triglyceride transfer protein; obesity;

XX
KM atherosclerosis; detection; inhibitor; prevention; stabilisation;

XX
KM reagents: lipid; serum cholesterol; TG; triglyceride; TG;

XX
KM phosphatidyl choline; pc; cholesterol; ester; CE;

XX
KM pancreatitis; hyperglycemia; abetalipoproteinemia; amplification;

XX
KM primer; polynucleotide chain reaction; PCR; ss;

XX
OS homo sapiens;

XX
EH Key

XX
FT Key Location/Qualifiers

XX
F1 CDS

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

XX
F1 Key

...